



Figure 1A

Identity to SeqID No:1 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

		* 20 *		
Segid1	:	ATGACTGTGACGATAGCAATCAATTCACAA	:	30
Seqid3	:		:	30
_		-		
		40 * 60		
Seqid1	:	AATCAAAAACCCATCAAGCGATTGGGCTTG	:	60
Seqid3	:		:	60
_		* 80 *		
Seqid1	:	ATTTTTGGTGTGATCACCACTTGCATTTTG	:	90
Seqid3	:	•••••	:	90
		100 * 120		
0		100		100
Seqid1	:	GCAGGATGTGCCAGTAAGCCAACCTATAAT	:	120
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	120
		* 140 *		
Segid1	•	AGTACCTCAGGTTCGGGCAGTCATCGTACT		150
Seqid3	•	AGIACCICAGGIICGGGCAGICAICGIACI	•	150
beqias	•		•	
		160 * 180		
Seqid1	:	TCAGGTTCAGGTGGTTTGGCAATAGGTTCA	:	180
Seqid3	:		:	180





Figure 1B

		* 200 *		
Seqid1	:	CAGGTTATCACGGACAGTCAGGGCGTACCA	:	210
- 4			-	
		220 * 240		
Secid1		AATCGCTATCAGGTGAAGCAGGGCGATACT		240
_				
beqias	•		•	240
		* 260 *		
Cowid1	_	GTCAGTAAGATTGCTCAGCGTTATGGATTA	_	270
-				
seqias	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	270
		280 * 300		
_		AATTGGCGTGAGATTGGACACATTAATAAT		
Seqid3	:		:	300
•				
		* 320 *		
Seqidl	:	CTAAATAGCAGTTATACGATTTATACAGGT	:	330
Seqid3	:		:	330
		340 * 360		
Seqid1	:	CAATGGCTGACTTTATGGTCAGGTGATCTC	:	360
Seqid3	:		:	360
_				
		* 380 *		
Seqid1	:	AAGGTGCGTGAGCGTAGTATCAGCTCTGGT	:	390
Seqid3	:		:	390





Figure 1C

		400 * 420		
Segid1	•	GTGAATACAGCTCACACACCTTCGCCTGTG	:	420
Segid3				420
seqias	•	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	•	420
		* 440 *		
Seqid1	:	GCGGTTCAGTCAAGCAGACCACCAGTACAG	:	450
Segid3	:		:	450
-				
		460 * 480		
Q ' -11				400
Seqid1	:	CAGCATCCTGCCGTACAAAAACCCACGCCA		
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	480
		* 500 *		
Segid1	•	CCTGTTGTTGTGGTAAAAAAACCCACACCG	•	510
Seqid3	:			510
sedias	•	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	•	210
				•
		520 * 540		
Seqid1	:	ACTCCGCCTGTGGTTCAGCAGCCAGCACCA	:	540
Segid3	:		:	540
_				
		* 560 *		
0				E70
		GTTGCCCCACCAGTGACAGAAGCACCATTT	:	570
Seq1d3	:		:	570
		580 * 600		
Segid1	•	GCCACGGGTAGCTCAGGGGTGATGCAATTT	:	600
_				
seding	•	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	•	000





Figure 1D

		* 620 *		
Seqid1	:	CGCTATCCTGTTGGTGCGACCAATCCAGTG	:	630
Seqid3	:		:	630
		640 * 660		
Seqid1	:	GTTCGACGCTTTGGTACGGCGACAGTGGCC	:	660
Seqid3	:		:	660
		* 680 *		
-	:	GGCTCAACTGTTACCAGTAATGGCATGTGG	:	690
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	690
-				
		700 * 720		
Seqid1		TTTTCTGGACGAGATGGCGATTTAATTAAC	:	720
Seqid3	:	•••••	:	720
		* 740 *		
Co ~ : 41		740		750
Seqid1		GCCAGTAATGCAGGCACAGTCATTCAAGCT	:	750
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	750
		760 * 780		
Segid1	:			780
Seqid3	•		:	780
Seqid3	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	780





Figure 1E

Seqid1 Seqid3	:	* 800 * ATTCAGCATACCAATGGATTTGTTTCAAGC	:	810 810
Seqid1 Seqid3	:	820 * 840 TATATCCATATTAAGGACGCTCAAGTTAAA	:	840 840
Seqid1 Seqid3	:	* 860 * ACAGGCGATACGGTGCGTACCGGTCAGCGT	:	870 870
Seqid1 Seqid3	:	880 * 900 ATTGCAAGCATGAAAAATCAGCCAAGCGGT	:	900 900
Seqid1 Seqid3	:	* 920 * GCGGCACTATTTGAATTTAGAATTTCTAGA	:	930 930
-		940 * 960 AATGGCGTGTATGTTGATCCATTGACAGTA		
-		CTTAAATAG : 969 : 966		





Figure 2A

Identity to SeqID No:2 is indicated by a dot. Gap is indicated by a dash.

		* 20 *		
Segid2	:	MTVTIAINSQNQKPIKRLGLIFGVITTCIL	:	30
Seqid4	:		•	30
504141	•		•	30
		40 * 60		
a ! 10		40		
Seqid2	:	AGCASKPTYNSTSGSGSHRTSGSGGLAIGS	:	60
Seqid4	:	• • • • • • • • • • • • • • • • • • • •	:	60
		* 80 *		
Seqid2	:	QVITDSQGVPNRYQVKQGDTVSKIAQRYGL	:	90
Segid4	:		:	90
-				
		100 * 120		
Secida		NWREIGHINNLNSSYTIYTGQWLTLWSGDL	:	120
Seqid4	:		:	120
		* 140 *		
Seqid2	:	KVRERSISSGVNTAHTPSPVAVQSSRPPVQ	:	150
Seqid4	:		:	150
		160 * 180		
Segid2	:	QHPAVQKPTPPVVVVKKPTPTPPVVQQPAP	:	180
Seqid4	•		:	180
204141	•		•	100



Figure 2B

TECHCENTER 1600/2808

		* 200 *		
Seqid2	:	VAPPVTEAPFATGSSGVMQFRYPVGATNPV	:	210
Seqid4	•:		:	210
		220 * 240		
Seqid2	:	VRRFGTATVAGSTVTSNGMWFSGRDGDLIN	:	240
Seqid4	:		:	240
		* 260 *		
Seqid2	:	ASNAGTVIQADHNMDGASIVIQHTNGFVSS	:	270
Seqid4	:		:	270
		280 * 300		
Seqid2	:	YIHIKDAQVKTGDTVRTGQRIASMKNQPSG	:	300
Seqid4	:	·	:	300
		* 320		
Seqid2	:	AALFEFRISRNGVYVDPLTVLK : 322		
Seqid4	:	: 322		





Figure 3A Figure 3B

